УДК 629.735.33-519 DOI: https://doi.org/10.15407/jai2020.04.042

***В.М. Синєглазов*[1], *О.І. Чумаченко*[2]**
[1]Національний авіаційний університет, Україна
пр. Любомира Гузара, 1, м. Київ, 03680
[2]Національний технічний університет України «Київський політехнічний інститут імені Ігоря Сікорського», Україна
пр. Перемоги, 37, м. Київ, 03056

СТРУКТУРНО-ПАРАМЕТРИЧНИЙ СИНТЕЗ НЕЙРОННИХ МЕРЕЖ ГЛИБОКОГО НАВЧАННЯ

***V.M. Sineglazov*[1], *O.I. Chumachenko*[2]**
[1]National Aviation University, Ukraine
1 Lubomyr Husar Ave., Kyiv, 03680
[2]National Technical University of Ukraine "Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute", Ukraine
37 Peremohy Ave., Kyiv, 03056

STRUCTURAL-PARAMETRIC SYNTHESIS OF DEEP LEARNING NEURAL NETWORKS

Анотація. Розглянуто структурно-параметричний синтез нейронних мереж глибокого навчання, зокрема згорткових нейронних мереж, які використовуються при обробці зображень. Надано класифікацію сучасних архітектур згорткових нейронних мереж. Показано, що практично кожна згорткова нейронна мережа, в залежності від її топології, має унікальні блоки, які визначають її суттєві особливості (наприклад, блок стиснення та збудження (Squeeze and Excitation Block), згортковий блок модуля уваги (Convolutional Block Attention Module), модуль уваги каналу (Channel attention module), модуль просторової уваги (Spatial attention module), залишковий блок (Residual block), початковий модуль (Inception module), блок ResNeXt). Поставлено задачу структурно-параметричного синтезу згорткових нейронних мереж, для розв'язання якої запропоновано використання генетичного алгоритму. Генетичний алгоритм використовується для ефективного подолання великого простору пошуку: з одного боку, для генерації можливих топологій згорткової нейронної мережі, а саме вибору специфічних блоків та місць їх розміщення в структурі згорткової нейронної мережі, а з іншого боку, для розв'язання задачі структурно-параметричного синтезу згорткової нейронної мережі обраної топології. Визначено найбільш значущі параметри згорткової нейронної мережі. Запропоновано метод кодування, який дозволяє представити кожну мережеву структуру у вигляді рядка фіксованої довжини в двійковому форматі. Після цього визначено кілька стандартних генетичних операцій, тобто селекцію, мутацію та кросинговер, які усувають слабких особин попереднього покоління та використовують їх для генерування конкурентних. Наведено приклад розв'язання поставленої задачі: у якості навчальної вибірки використовувалася база даних (результати УЗД-досліджень) пацієнтів із захворюванням щитовидної залози.

Ключові слова: структурно-параметричний синтез; згорткова нейронна мережа; багатокритеріальний генетичний алгоритм; блок стиснення та збудження; згортковий блок модуля уваги; залишковий блок; глибоке навчання.

Abstract. The structural-parametric synthesis of neural networks of deep learning, in particular convolutional neural networks used in image processing, is considered. The classification of modern architectures of convolutional neural networks is given. It is shown that almost every convolutional neural network, depending on its topology, has unique blocks that determine its essential features (for example, Squeeze and Excitation Block, Convolutional Block of Attention Module (Channel attention module, Spatial attention module), Residual block, Inception module, ResNeXt block. It is stated the problem of structural-parametric synthesis of convolutional neural networks, for the solution of which it is proposed to use a genetic algorithm. The genetic algorithm is used to effectively overcome a large search space: on the one hand, to generate possible topologies of the convolutional neural network, namely the choice of specific blocks and their locations in the structure of the convolutional neural network, and on the other hand to solve the problem of structural-parametric synthesis of convolutional neural network of selected topology. The most significant parameters of the convolutional neural network are determined. An encoding method is proposed that allows to represent each network structure in the form of a string of fixed length in binary format. After that, several standard genetic operations were identified, i.e. selection, mutation and crossover, which eliminate weak individuals of the previous

generation and use them to generate competitive ones. An example of solving this problem is given, a database (ultrasound results) of patients with thyroid disease was used as a training sample.

Keywords: structural-parametric synthesis; convolutional neural network; multicriteria genetic algorithm; Squeeze and Excitation Block; Convolutional Block of Attention Module; Residual block; deep learning.

Вступ

Застосування багатошарового персептрона з традиційною структурою при вирішенні реальних задач розпізнавання й класифікації зображень викликає певні труднощі. По-перше, зображення, як правило, мають велику розмірність, внаслідок чого зростає кількість нейронів і синаптичних зв'язків у мережі. У свою чергу, це вимагає збільшення навчальної вибірки, внаслідок чого збільшується час і обчислювальна складність процесу навчання. По-друге, ігнорується топологія вхідних даних. Компоненти вхідного шару можуть бути представлені в будь-якому порядку, без урахування мети навчання. Однак зображення мають строгу двовимірну структуру, в якій існує залежність між просторово-сусідніми пікселями [1, 5].

Від цих недоліків вільні так звані згорткові нейронні мережі, які являють собою особливий клас багатошарових персептронів, спеціально створених для розпізнавання двовимірних поверхонь з високим ступенем інваріантності до масштабування, зсуву, повороту, зміни ракурсу та інших просторових спотворень.

Згорткова нейронна мережа (ЗНМ) (англ. Convolutional Neural Network) – це особлива архітектура штучної нейронної мережі, що імітує особливості зорової області кори головного мозку [2].

На противагу до багатошарового персептрону, ЗНМ мають наступні відмінні ознаки:

1. Локальна повнозв'язність: відповідно до концепції рецептивних полів, ЗНМ використовують просторову локальність шляхом застосування схеми локальної зв'язності між нейронами сусідніх шарів. Таким чином, ця архітектура забезпечує можливість навченим «фільтрам» (ядрам згортки) виробляти найсильніший відгук на просторово-локальний вхідний образ. Структура із багатьох таких шарів еквівалентна використанню нелінійного фільтру і є чутливою до більшої області піксельного простору. Таким чином, мережа спочатку створює представлення дрібних деталей входу, а потім з них збирає представлення більших областей [2].
2. Спільні ваги: у ЗНМ кожен фільтр повторюється на всьому зоровому полі. Ці повторні вузли використовують спільну параметризацію (вектор ваг та порогів) та формують карту ознак. Це означає, що всі нейрони у заданому згортковому шарі реагують на одну й ту ж саму ознаку в межах свого рецептивного поля. Повторювання вузлів, таким чином, дозволяє виявити ознаки незалежно від їхнього положення в зоровому полі, забезпечуючи властивість інваріантності відносно зсуву [2].

Разом ці властивості дозволяють ЗНМ досягати кращого узагальнення на задачах розпізнавання зображень. Спільне використання ваг різко зменшує кількість вільних параметрів, завдяки яким навчається мережа, знижуючи вимоги до пам'яті для роботи мережі та уможливлюючи тренування більших, потужніших мереж [2].

Принцип організації згорткової мережі

Згорткова нейронна мережа будується на основі операції згортки, що дозволяє навчати ЗНМ на окремих частинах зображення, ітераційно збільшуючи локальну область навчання окремого ядра згортки.

Класифікація шарів згорткової мережі

Ключовим моментом у розумінні ЗНМ є поняття так званих спільних ваг, тобто частина нейронів деякого шару нейронної мережі може використовувати одні й ті самі вагові коефіцієнти. Нейрони, що

використовують одні й ті самі ваги, об'єднуються в карти ознак (англ. feature maps), а кожен нейрон карти ознак пов'язаний з частиною нейронів попереднього шару. При обчисленні мережі виходить, що кожен нейрон виконує згортку деякої області попереднього шару (яка визначається множиною нейронів, пов'язаних з даним нейроном). Шари нейронної мережі, побудовані описаним чином, називаються згортковими шарами. Крім згорткових шарів, в згортковій нейронній мережі можуть бути шари агрегації (субдискретизації), що виконують функції зменшення розмірності карти ознак, і повнозв'язні шари (класифікатор, який знаходиться на виході мережі). Згорткові шари та шари агрегації можуть чергуватися, найчастіше шари агрегації розміщують за шарами згортки [2, 3].

Згорткові нейронні мережі [4] виявилися надзвичайно успішними для широкого кола задач комп'ютерного зору й інших додатків. Залежно від типу архітектурних модифікацій, ЗНМ можна в цілому розділити на сім різних класів, а саме: ЗНМ на основі просторового використання; ЗНМ на основі використання глибини; розгалужені ЗНМ; ЗНМ з безліччю підключень на основі ширини; ЗНМ на основі використання карти ознак; ЗНМ на основі бустінга каналів; ЗНМ на основі використання механізму уваги. Класифікацію архітектур ЗНМ наочно представлено на рис. 1, [7].

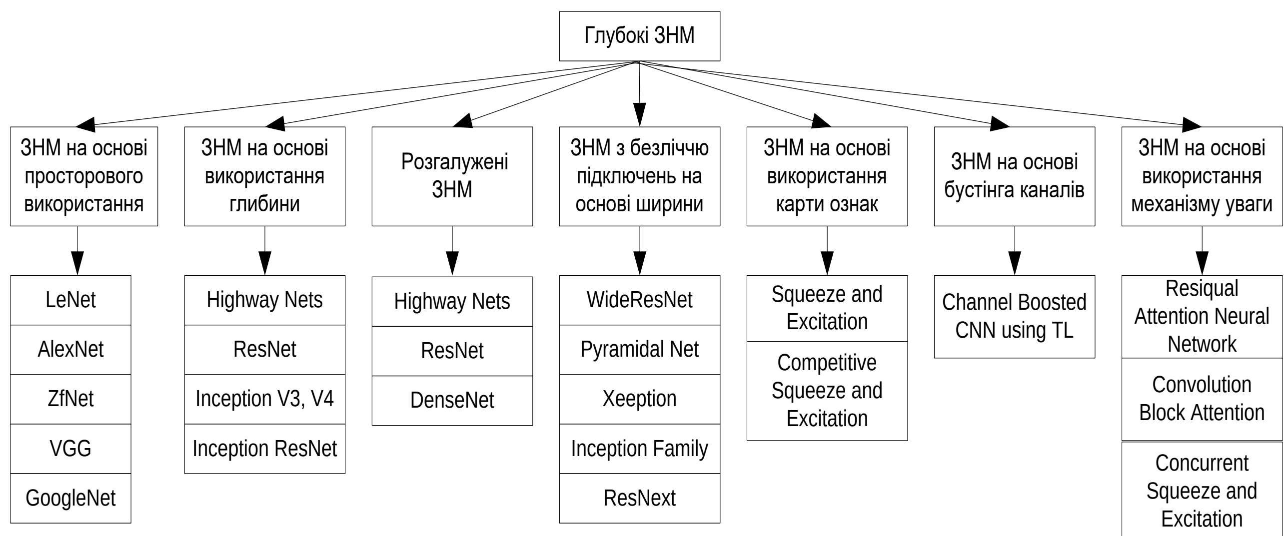


Рис. 1. Класифікація глибинних архітектур ЗНМ

Характерною особливістю сучасних ЗНМ є наявність унікальних блоків, які визначають їх суттєві особливості: наприклад, блок стиснення та збудження (Squeeze and Excitation Block), згортковий блок модуля уваги (Convolutional Block Attention Module), модуль уваги каналу (Channel attention module), модуль просторової уваги (Spatial attention module), залишковий блок (Residual block), початковий модуль (Inception module), блок ResNeXt [8–13].

Однією з основних проблем, що стримує подальший прогрес використання ЗНМ, є великий архітектурний простір параметрів, включаючи тип унікального блоку, місце розміщення в структурі ЗНМ, його зв'язки з іншими блоками та шарами.

Визначення найбільш значущих, з точки зору ефективності параметрів, згорткових нейронних мереж

Визначення найбільш значущих, з точки зору ефективності параметрів, ЗНМ проводилося в результаті експерименту над комбінованою мережею, яка складається із ЗНМ, класифікатора та розгорткової НМ.

Для експерименту використовувалася база даних пацієнтів із захворюванням щитовидної залози.

Плануючи експеримент, намагалися дотримуватися наступного плану:

1. Будуть аналізуватися кількість шарів згортки в межах від 2 до 4.
2. Шари агрегації буде розміщено після шарів згортки й перед шарами розгортки, один шар агрегації буде використовуватися для одного, двох або трьох шарів згортки. У кожному шарі агрегування використовуватиметься ядро розміром 2×2, як оптимальне. При більшому розмірі ядра агрегування втрачається занадто багато інформації. У шарах агрегації використовуватиметься функція максимізації, оскільки вона проста та надійна.
3. Шари розгортки будуть використовуватися такі ж, як шари згортки, в кількості від 2 до 4. Розмір ядра згортки повинен бути непарним, і не занадто великим, тому можливі розміри – 3, 5, 7.
4. Кількість карт ознак може бути від 4 до 64, також бажано використовувати парну кількість і, бажано, щоб число було ступенем двійки, для спрощення розрахунків.

Зміщення використовуватиметься однакове для горизонталі та вертикалі, завжди одиничне, для спрощення архітектури мережі. Далі буде розглянуто зміщення 2×2 або 3×3 для ядра згортки розміром 5 та 7.

Для згортки матриці зображення, на краях матриці використовується заповнення нулями недостатніх полів матриці зображення, без зменшення карт ознак.

У якості функції активації використовується функція ReLU, а класифікатора – автоенкодер.

Враховуючи вищенаведене, експеримент проводили, змінюючи наступні параметри:

1. Кількість шарів згортки від 2 до 4.
2. Кількість шарів агрегації від 1 до 4.
3. Розглядаються три варіанти: один агрегуючий шар після одного згорткового шару, один агрегуючий шар після двох згорткових шарів, один агрегуючий шар після трьох згорткових шарів.
4. Шари згортки (на кожному шарі окремо):
   – розмір ядра згортки 3×3, 5×5, 7×7;
   – кількість карт ознак 8, 16 та 32;
   – величина зміщення – фіксований параметр (табл. 1);
   – використовуваний крайовий ефект – фіксований параметр (табл. 1).
5. Шари агрегації:
   – розмір ядра агрегації – фіксований параметр (табл. 1);
   – функція ядра агрегації – фіксований параметр (табл. 1).
6. Класифікатор:
   – тип класифікатора – фіксований параметр (табл. 1);
   – кількість шарів від 2 до 4;
   – розмір кожного шару 64, 128, 256 та 512.
7. Операції вилучення для кожного шару: – відсоток вилучення – фіксований параметр (табл. 1).

Фіксовані параметри нейронної мережі:

1. Шари згортки:
   – величина зміщення 1 для кожного шару;
   – на краях матриці зображення для згортки використовується заповнення нулями, розмір карт ознак рівний розміру матриці зображення;
   – функція активація використовується ReLU.
1. Шари агрегації:
   – розмір ядра агрегації 2x2;
   – в якості функції агрегації беремо максимізаційне агрегування (макс-пулінг).
2. Використовуються тільки повнозв'язні шари – функція активації ReLU.
3. Операція вилучення не використовується.
4. Функції ініціалізації – нормалізаційна ініціалізація (Glorot).
5. Функції похибки – MSE.
6. Кількість епох навчання 20.

Результати експерименту наведено у таблиці 1.

Таблиця 1. Результати експерименту

№	Перший шар згортки	Другий шар згортки	Розмір класифікатора	Точність	Час навчання
0	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-128-512	0,001742294	391,118135
1	8 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	256-128-256	0,001828256	315,2135794
2	8 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-128-512	0,001830939	344,9284253
3	8 карт ознак з розміром ядра 5x5 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-256-512	0,001847606	400,4870558
4	16 карт ознак з розміром ядра 5x5 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-256-512	0,001856388	432,3665767
5	8 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	256-256-256	0,001867345	323,8970006
6	8 карт ознак з розміром ядра 5x5 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-64-512	0,001872922	395,7997081
7	8 карт ознак з розміром ядра 5x5 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	256-128-256	0,001883072	375,089128
8	8 карт ознак з розміром ядра 5x5 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-128-512	0,001907312	396,17189
9	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	16 карт ознак з розміром ядра 3x3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2x2	512-64-512	0,001910896	391,7317238

Залежність часу та точності від розміру повнозв’язних шарів для двошарової ЗНМ показано у табл. 2.

Залежність точності від розміру повнозв’язного шару для двошарової згорткової нейронної мережі наведено у табл. 3.

Залежність точності від розміру повнозв’язного шару для двошарової ЗНМ наведено у табл. 4.

На основі аналізу результатів перевірки комбінованої ЗНМ на перевірочній вибірці, представленій у табл. 1–4 можна визначити значущі параметри для ЗНМ:

1. Кількість шарів згортки.
2. Кількість шарів агрегації.

Таблиця 2. Залежність часу та точності від розміру повнозв'язних шарів

Розмір класифікатора	*Середній час навчання*	*Середня похибка*
128-128-128	359,03918	0,002336
128-64-128	365,41794	0,002331
256-128-256	386,7935667	0,002081833333
256-256-256	377,0971714	0,002196285714
256-64-256	372,98418	0,00224
512-128-512	408,1395429	0,002040428571
512-256-512	402,3346875	0,00207175
512-64-512	407,6629857	0,002037285714
Загалом	**387,538866**	**0,00215036**

Таблиця 3. Залежність точності від розміру повнозв'язного шару для двошарової згорткової нейронної мережі

Розмір класифікатора	*Середній час навчання*	*Середня похибка*
128-128-128	577,138937	0,003233888889
128-64-128	585,9992231	0,003113
256-128-256	579,5261	0,002881666667
256-256-256	579,3374333	0,002944111111
256-64-256	577,4629667	0,003002851852
299-203-10	926,1383	0,005402
400-200-400	470,1731	0,0026045
512-128-512	584,2283185	0,002777777778
512-256-512	585,362237	0,002738296296
512-64-512	583,114363	0,002727
607-270-378	227,3493	0,003207
849-504-823	207,6274	0,007604
958-458-858	1046,459	0,00434
Загалом	**580,8619891**	**0,002963579186**

Таблиця 4. Залежність точності від розміру повнозв'язного шару для двошарової ЗНМ

Розмір класифікатора	*Середній час навчання*	*Середня похибка*
128-128-128	783,8963694	0,004702472222
128-64-128	784,9493389	0,00488425
256-128-256	789,4073444	0,004520722222
256-256-256	799,4197829	0,004283371429
256-64-256	787,7435611	0,004556388889
400-200-400	501,48954	0,0037154
512-128-512	787,0071278	0,004362583333
512-256-512	789,0946806	0,004270833333
512-64-512	792,0630917	0,0043455
Загалом	**784,2361459**	**0,00447819863**

3. Взаємне розміщення шарів згортки та агрегуючих шарів.
4. Шари згортки:
   – розмір ядра згортки (на кожному шарі окремо);
   – кількість карт ознак (на кожному шарі окремо);
   – величина зміщення (на кожному шарі окремо);
   – параметр крайового ефекту.
5. Шари агрегації (на кожному шарі окремо):
   – розмір ядра агрегації;
   – функція ядра агрегації.
6. Повнозв'язні шари (на кожному шарі окремо):
   – кількість повнозв'язних шарів;
   – розмір кожного шару;
   – тип класифікатора: автоенкодер.
7. Наявність операції вилучення для кожного шару – відсоток вилучення та випадкова функція.

Для оптимізації структури та параметрів ЗНМ використано генетичний алгоритм [6].

Постановка задачі структурно-параметричного синтезу згорткової нейронної мережі

Задано скінченний набір $J = \left\{ R_j, Y_j \right\}$ $j = 1,...,P$ пар типу «атрибут-значення», де R_j, Y_j – вхідний і вихідний вектор НМ, відповідно.

Необхідно синтезувати таку оптимальну НМ на основі навчальної вибірки J, яка забезпечувала б ефективне розв'язання прикладної задачі (класифікації, апроксимації, прогнозування). Векторний критерій оптимальності визначається як

$$\mathbf{I} = \left\{ I_1(x), \quad I_2(x) \right\} \to \text{opt},$$

де $I_1(x) = E_{\text{узаг}}(x)$ похибка узагальнення, що визначає величину похибки розв'язання поставленої задачі на перевірочній вибірці; $I_2(x) = S(x)$ – складність нейронної мережі (кількість міжнейронних зв'язків); **X** – вектор значущих параметрів.

Оптимізація структури та параметрів ЗНМ

Для оптимізації структури та параметрів ЗНМ використовується багатокритеріальний генетичний алгоритм [6], який має наступні особливості:

– перехід від обмежень до додаткових критеріїв;
– використання концепції Парето-оптимальності, домінування та щільності розв'язків для обчислення пристосованості рішення;
– адаптивне визначення ймовірності схрещування та мутації;
– використання особливого типу кросовера – neighborhood crossover;
– підтримка зовнішньої множини індивідів (архіву) для реалізації елітизму;
– кластеризація для ліквідації згустків точок та підвищення репрезентативності рішення;
– «лікування хромосом» на області адаптивного визначення ймовірності схрещування та мутації;
– використання особливого типу кросовера – neighborhood crossover;
– підтримка зовнішньої множини індивідів (архіву) для реалізації елітизму;
– кластеризація для ліквідації згустків точок та підвищення репрезентативності рішення;
– «лікування хромосом» на області початкових обмежень для уточнення рішень.

Опис хромосоми

У нашому алгоритмі кожному екземпляру відповідає 114 бітів. Їх можна представити у вигляді 6 генів – за кількістю шарів згортки та класифікатора. У перших трьох генах (генах згортки) можна виділити 7 полів:

1. Наявність шару 1 біт (при 0 в першому гені екземпляр потрапляє в біореактор).
2. Кількість карт ознак 7 біт – від 4 до 256.
3. Розмір ядра 3 біта – ядро має розмір від 3 до 8 включно.
4. Зміщення 2 біта – від 1 до 4 включно, при зміщенні більше половини плюс 0,5 (*n*/2 + 0,5) екземпляр потрапляє в біореактор. Тобто, найбільш можливе зміщення 4 при розмірі ядра 7 або 8.

5. Dropout, шар виключення. Ген має розмір 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%.
6. Крайові ефекти згортки, 1 біт – визначення зменшення розміру зображення при виконанні операції згортки.
7. Шар агрегації (пулінгу), 3 біта. Є п'ять можливих варіантів: наявність шару агрегації, розмір агрегації 2×2 або 3×3 та функції агрегації – максимізаційна та усереднювальна.

У останніх трьох генах можна виділити 3 поля:

1. Наявність шару 1 біт (при 0 в першому гені екземпляр потрапляє в біореактор).
2. Розмір повнозв'язного шару 11 біт – шар має розмір від 0 до 1024 включно.
3. Dropout, шар виключення. Ген має розмір 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%.

Схематичне зображення однієї хромосоми показано у таблиці 5.

Таблиця 5. Масштабоване представлення хромосоми, усього 30 генів

<table>
<tr><td>Наявність 1 біт</td><td>Наявність 1 біт</td><td>Наявність 1 біт</td><td>Наявність</td><td>Наявність</td><td>Наявність</td></tr>
<tr><td>Кількість карт ознак 7 бітів – від 4 до 256</td><td>Кількість карт ознак 7 бітів – від 4 до 256</td><td>Кількість карт ознак 7 бітів – від 4 до 256</td><td rowspan="3">Розмір повнозв'язного шару 11 бітів – шар має розмір від 0 до 1024 включно</td><td rowspan="3">Розмір повнозв'язного шару 11 бітів – шар має розмір від 0 до 1024 включно</td><td rowspan="3">Розмір повнозв'язного шару 11 бітів – шар має розмір від 0 до 1024 включно</td></tr>
<tr><td>Розмір ядра 3 біту – від 3 до 8 включно</td><td>Розмір ядра 3 біту – від 3 до 8 включно</td><td>Розмір ядра 3 біту – від 3 до 8 включно</td></tr>
<tr><td>Зміщення, 2 біту</td><td>Зміщення, 2 біту</td><td>Зміщення, 2 біту</td></tr>
<tr><td>Dropout, 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%</td><td>Dropout, 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%</td><td>Dropout, 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%</td><td rowspan="3">Dropout, 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%.</td><td rowspan="3">Dropout, 5 бітів, можливі значення виключен-ня від 0% до 30%.</td><td rowspan="3">Dropout, 5 бітів, можливі значення виключення від 0% до 30%</td></tr>
<tr><td>Крайові ефекти</td><td>Крайові ефекти</td><td>Крайові ефекти</td></tr>
<tr><td>Шар агрегації (пулінгу), 3 біта</td><td>Шар агрегації (пулінгу), 3 біта</td><td>Шар агрегації (пулінгу), 3 біта</td></tr>
</table>

Навчальна вибірка формується в результаті використання системного підходу, що включає: видалення шумів на зображенні, сегментацію зображення, виділення границь на картинці, формалізацію дескриптора об'єкта, класифікацію дескриптора.

Найкращий результат наведено в таблиці 6.

Таблиця 6. Найкращий результат

Перший шар згортки	*Другий шар згортки*	*№ хромосоми*	*Пращури*	*Точність*	*Час навчання, с*	*Параметри мережі*
12 карт ознак з розміром ядра 3х3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2х2.	72 карти ознак з розміром ядра 3х3 та зміщенням 1. Шар макс-пулінгу з розміром ядра 2х2.	6	М = 10, Б = 5	0,0008146313731	788,423846	{'ПЗШ': [256], 'Зм': [1, 1], 'КЕ': ['0', '0'], 'Пр': 'М=10 , Б=5', 'Ід': 46, 'РП': [2, 2], 'ВПЗШ': [0], 'ВЗ': [0, 0], 'РЯ': [3, 3], 'КЯЗ': [12, 72]}

*ПЗШ – повнозв’язний шар; Зм – зміщення; КЕ – крайові ефекти; Пр – пращури; М – мати; Б – батько; Ід – ідентифікатор; РП – розмір пулінгу (агрегації); ВПЗШ – виключення повно-з’єднаного шару (дропаут); ВЗ – виключення згорткового шару; РЯ – розмір ядра згортки; КЯЗ – кількість ядер згортки.

Для подальшого покращення вибраної, згідно таблиці 6, топології ЗНМ, пропонується розміщувати спеціальні блоки (див. розділ «Класифікація шарів згорткової мережі») між згортковими шарами та шарами макс-пулінгу. Можливі варіанти вибору специфічних блоків, структури та послідовності їх з'єднання визначаються за рахунок їх генерації на основі використання генетичного алгоритму.

Висновки

Для виявлення неформалізованих елементів розроблена методологія обробки відеозображень на базі ЗНМ, в якій оптимальним чином визначаються параметри ЗНМ на основі використання багатокритеріального генетичного алгоритму з подальшим використанням генетичного алгоритму для визначення специфічних блоків, структури та послідовності їх з'єднання; навчальна вибірка формується в результаті використання системного підходу, що включає: видалення шумів на зображенні, сегментацію зображення, виділення границь на картинці, формалізацію дескриптора об’єкта, класифікацію дескриптора, що дає можливість підвищити точність розпізнавання.

Література

1. Al-Marzouqi H. (2009). *Data Clustering Using a Modified Kuwahara Filter, Neural Networks*. International Joint Conference. 128-132. DOI: 10.1109/IJCNN.2009.5178658.
2. LeCun Y., Boser B., Denker J. S., Henderson D., Howard R. E., Hubbard W. and Jackel L. D. (1989). *Backpropagation Applied to Handwritten Zip Code Recognition,* 541-551. DOI: 10.1162/neco.1989.1.4.541.
3. Lee H., Grosse R., Ranganath R., and Ng A. Y. (2009). *Convolutional deep belief networks for scalable unsupervised learning of hierarchical representations*. In ICML’2009. DOI: 10.1145/1553374.1553453
4. Синєглазов В. М., Чумаченко О. І. (2017). *Deep Learning Classifier Based on NEFCLASS and NEFPROX Neural Networks*. Матеріали міжнародної науково-практичної конференції «Інформаційні технології та комп’ютерне моделювання». – Івано-Франківськ – Яремче, Україна (15 – 20 травня 2017 р.), 278-281.
5. Чумаченко Е. И., Левицкий О. Ю. (2011). *Разработка алгоритма обработки изображений для задач диагностики*. Електроніка та системи управління. К.: НАУ, 1 (27), 57-65.
6. Zgurovsky Michael Z., Sineglazov Victor M., Chumachenko Olena I. (2020). *Artificial Intelligence Systems Based on Hybrid Neural Networks*, Springer, 390. DOI: 10.1007/978-3-030-48453-8
7. Asifullah Khan, Anabia Sohail, Umme Zahoora, and Aqsa Saeed Qureshi (2020). *A Survey of the Recent Architectures of Deep Convolutional Neural Networks*. Published in Artificial Intelligence Review, DOI: 10.1007/s10462-020-09825-6.
8. Franëcois Chollet. (2017). *Xception: Deep Learning with Depthwise Separable Convolutions*. arXiv:1610.02357v3 [cs.CV] 4 Apr 2017
9. Saining Xie, Ross Girshick, Piotr Dollarr, Zhuowen Tu, Kaiming He. (2017). *Aggregated*

Residual Transformations for Deep Neural Networks. arXiv:1611.05431v2

10. Xingcheng Zhang, Zhizhong Li, and Chen Change Loy Dahua Lin. (2017). *PolyNet: A Pursuit of Structural Diversity in Very Deep Networks*. arXiv:1611.05725v2
11. Fei Wang, Mengqing Jiang, Chen Qian, Shuo Yang, Cheng Li, Honggang Zhang, Xiaogang Wang, and Xiaoou Tang. (2017). *Residual Attention Network for Image Classification*. arXiv:1704.06904v1
12. Sanghyun Woo, Jongchan Park, Joon-Young Lee, and In So Kweon. (2018). *CBAM: Convolutional Block Attention Module*. arXiv:1807.06521v2
13. Jie Hu1, Li Shen, and Gang Sun. (2018). *Squeeze-and-Excitation Networks*. Retrieved from https://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2018/papers/Hu_Squeeze-and-Excitation_Networks_CVPR_2018_paper.pdf

References

1. Al-Marzouqi H. (2009). *Data Clustering Using a Modified Kuwahara Filter, Neural Networks*. International Joint Conference. 128-132. DOI: 10.1109/IJCNN.2009.5178658.
2. LeCun Y., Boser B., Denker J. S., Henderson D., Howard R. E., Hubbard W. and Jackel L. D. (1989). *Backpropagation Applied to Handwritten Zip Code Recognition*, 541-551. DOI: 10.1162/neco.1989.1.4.541.
3. Lee H., Grosse R., Ranganath R., and Ng A. Y. (2009). *Convolutional deep belief networks for scalable unsupervised learning of hierarchical representations*. In ICML’2009. DOI: 10.1145/1553374.1553453
4. Synyehlazov V. M., Chumachenko O. I. (2017) Deep Learning Classifier Based on NEFCLASS and NEFPROX Neural Networks. Materialy mizhnarodnoyi naukovo-praktychnoyi konferentsiyi "Informatsiyni tekhnolohiyi ta komp″yuterne modelyuvannya". – Ivano-Frankivs′k – Yaremche, Ukrayina (15 – 20 travnya 2017), 278-281.
5. Chumachenko E. Y., Levytskyy O. YU. (2011) Razrabotka alhorytma obrabotky yzobrazhenyy dlya zadach dyahnostyky. Elektronika ta systemy upravlinnya. K.: NAU, 1 (27), 57-65.
6. Zgurovsky Michael Z., Sineglazov Victor M., Chumachenko Olena I. (2020). *Artificial Intelligence Systems Based on Hybrid Neural Networks*, Springer, 390. DOI: 10.1007/978-3-030-48453-8
7. Asifullah Khan, Anabia Sohail, Umme Zahoora, and Aqsa Saeed Qureshi (2020). *A Survey of the Recent Architectures of Deep Convolutional Neural Networks*. Published in Artificial Intelligence Review, DOI: 10.1007/s10462-020-09825-6.
8. Franёcois Chollet. (2017). *Xception: Deep Learning with Depthwise Separable Convolutions*. arXiv:1610.02357v3 [cs.CV] 4 Apr 2017
9. Saining Xie, Ross Girshick, Piotr Dollarr, Zhuowen Tu, Kaiming He. (2017). *Aggregated Residual Transformations for Deep Neural Networks*. arXiv:1611.05431v2
10. Xingcheng Zhang, Zhizhong Li, and Chen Change Loy Dahua Lin. (2017). *PolyNet: A Pursuit of Structural Diversity in Very Deep Networks*. arXiv:1611.05725v2
11. Fei Wang, Mengqing Jiang, Chen Qian, Shuo Yang, Cheng Li, Honggang Zhang, Xiaogang Wang, and Xiaoou Tang. (2017). *Residual Attention Network for Image Classification*. arXiv:1704.06904v1
12. Sanghyun Woo, Jongchan Park, Joon-Young Lee, and In So Kweon. (2018). *CBAM: Convolutional Block Attention Module*. arXiv:1807.06521v2
13. Jie Hu1, Li Shen, and Gang Sun. (2018). *Squeeze-and-Excitation Networks*. Retrieved from https://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2018/papers/Hu_Squeeze-and-Excitation_Networks_CVPR_2018_paper.pdf

Стаття надійшла до редакції 12.10.2020
Після доробки 24.11.2020